

## SFTS 感染ネコの周辺環境におけるマダニ相とウイルス叢

木村俊也<sup>1)</sup>, 鋤田龍星<sup>2)</sup>, 小林大介<sup>3)</sup>, 伊澤晴彦<sup>3)</sup>, 比嘉由紀子<sup>3)</sup>, 林 利彦<sup>3)</sup>, 葛西真治<sup>3)</sup>, 沢辺京子<sup>3)</sup>

<sup>1</sup>愛媛県食肉衛生検査センター, <sup>2</sup>岡山理科大学獣医学部・人獣共通感染症講座, <sup>3</sup>国立感染症研究所・昆虫医科学部

【はじめに】愛媛県では、2013年2月に後方視的調査で最初の重症熱性血小板減少症候群(SFTS)の患者が確認されて以降、県内在住者28名(うち死者8名)の患者が報告されている一方、これまで伴侶動物のSFTS発症例は確認されていなかった。2019年6月に県内の臨床獣医師から『I市O島(人口約6千人、面積41.9km<sup>2</sup>)において飼いネコAのSFTS発症例が確認され、隣家の飼いネコBも1年前に同様の症状を呈していた(同月SFTSVの感染を確認).』との情報を得て、直ちに、これら飼いネコの周辺環境におけるマダニ相とウイルス叢の調査を行ったので概要を報告する。

【方法】2019年6月16日にフランネル法で植生マダニを採集(2人×2時間)し、採集したマダニの種同定および保有ウイルスの解析(①RT-PCR法によるウイルス遺伝子検出, ②Vero細胞を用いたウイルス分離, ③次世代シーケンサーを用いた網羅的な配列決定による保有ウイルス叢解析)を行った。

【結果】今回採集されたマダニは合計103頭で、その内訳は多い順にタカサゴチマダニ45頭(雄11・雌14・若虫20), ヤマアラシチマダニ41頭(雄6・雌8・若虫27), キチマダニ8頭(雄1・若虫7), タカサゴキララマダニ7頭(若虫7), フタトゲチマダニ2頭(若虫2)であった。このうち、タカサゴキララマダニ若虫7頭のプールからSFTSV遺伝子が検出された。検出されたウイルス遺伝子断片の塩基配列(約420塩基)は、2016年に韓国のヒト血清から得られたウイルス株の配列と一致した。なお、本陽性プールからのSFTSVの分離は成功しなかった。一方、マダニのウイルス叢解析においては、ヤマアラシチマダニ若虫とタカサゴキララマダニ若虫のプールから、近年中国でヒトの熱性疾患の原因として認識されつつある新興アルボウイルスであるJingmen tick virusの遺伝子配列が検出された。

【結論】隣接した2軒の飼いネコ2頭のSFTSV感染が相次いで確認され、2頭目の発症から約1ヵ月後に周辺で採集した植生マダニからSFTSV遺伝子が検出された。このことから、当該地域ではSFTSVの病原巣が定着し、持続的な感染環が成立していると推察された。引き続き関係機関と連携し継続的な調査を行い、SFTSの予防啓発につなげたい。